

①⑨ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENTAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 43 44 726 A 1**

⑤① Int. Cl.⁸:
C 12 Q 1/68

②① Aktenzeichen: P 43 44 726.0
②② Anmeldetag: 27. 12. 93
②③ Offenlegungstag: 29. 6. 95

⑦① Anmelder:
Deutsches Krebsforschungszentrum, 69120
Heidelberg, DE

⑦④ Vertreter:
Gottlob, P., Dipl.-Ing., Pat.-Ass., 76297 Stutensee

⑦② Erfinder:
Cremer, Thomas, Prof. Dr., 69126 Heidelberg, DE;
Ried, Thomas, Dr., 69121 Heidelberg, DE; Speicher,
Michael, Dr., 69124 Heidelberg, DE; Jauch, Anna,
Dr., 68542 Heddeshheim, DE; Lichter, Peter, Dr., 69251
Gaiberg, DE

Prüfungsantrag gem. § 44 PatG ist gestellt

⑤④ Anordnung von Nukleinsäuresequenzen und deren Verwendung

⑤⑦ Die Erfindung betrifft eine Anordnung von Nukleinsäuresequenzen und deren Verwendung.
Aufgabe der Erfindung ist es nun, die Anordnung von Nukleinsäuresequenzen so auszugestalten, daß bei geringem technischen Aufwand eine hohe Auflösung bei der vergleichenden genomischen Hybridisierung erzielt werden kann. Diese Aufgabe wird dadurch gelöst, daß alle Komponenten dieser Anordnung von Nukleinsäuresequenzen voneinander getrennt sind.

DE 43 44 726 A 1

DE 43 44 726 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft eine Anordnung von Nukleinsäuresequenzen und deren Verwendung.

Mit Verfahren der vergleichenden genomischen in situ Hybridisierung (comparative genomic hybridization, CGH) auf Referenz-Chromosomenpräparaten mit normalem Karyotyp können derzeit in einer genomischen Test-DNA (z. B. Tumor-DNA, genomische Probanden-DNA mit Verdacht auf unbalancierte Chromosomenaberrationen) Gewinne und Verluste von Genomabschnitten von etwa 10 Mbp erfaßt werden. Bei Amplifikationen können auch wesentlich kleinere DNA-Abschnitte durch CGH auf Referenzchromosomenpräparate kartiert werden. Diese Verfahren sind aus Du Manoir, s., Speicher, M.R., Joos, S., Schröck, E., Popp, S., Döhner, H., Kovacs, G., Robert-Nicoud, M., Lichter, P., Cremer, T.: Detection of complete and partial chromosome gains and losses by comparative genomic in situ hybridization. *Hum. Genet.* 90 : 590-610, 1993, oder Joos, S., Scherthan, H., Speicher, M.R., Schlegel, J., Cremer, T., Lichter, P.: Detection of amplified genomic sequences by reverse chromosome painting using genomic tumor DNA as probe. *Hum. Genet.* 90 : 584-589, 1993, bekannt. Als genomische Referenz-DNA kann DNA genommen werden, die — falls verfügbar — aus Zellen mit normalem Chromosomenkomplement derselben oder auch einer anderen Person gewonnen wird.

Der heute erreichte Stand der Entwicklung von CGH hat zwei wesentliche Limitierungen. Zum einen ist eine weitere Erhöhung des Auflösungsvermögens wünschenswert. Es ist zu erwarten, daß auf Prometaphasechromosomen CGH Analysen partieller Trisomien und Monosomien mit einem Auflösungsvermögen von etwa ≥ 3 Mbp möglich werden. Dies entspricht dem mittleren DNA-Gehalt einer Chromosomenbande bei einer hochauflösenden Chromosomenbänderung mit ca. 1000 Banden pro haploidem Chromosomensatz. Für viele Anwendungen wäre jedoch ein CGH-Test wünschenswert, mit dem auch Gewinne und Verluste einzelner Gene oder sogar intragenischer DNA-Abschnitte sicher erfaßt werden können. Möglicherweise lassen sich weitere Verbesserungen des Auflösungsvermögens erreichen, wenn CGH-Analysen auf noch stärker dekondensierten Chromatinstrukturen durchgeführt werden. Zum anderen haben CGH-Tests auf mitotischen Referenzchromosomen den Nachteil, daß die vollautomatische Identifizierung von Chromosomen nach Fluoreszenzbänderung, z. B. mit DAPI, und die Messung der CGH-Fluoreszenzquotienten-Profile entlang der einzelnen Chromosomen technisch-aufwendig und zeitraubend ist.

Aufgabe der Erfindung ist es nun, eine Anordnung von Nukleinsäuresequenzen zur Verfügung zu stellen, mit der mit weniger technischem Aufwand eine Automatisierung und eine wesentlich höhere Auflösung erzielt werden kann.

Diese Aufgabe wird durch die Merkmale des Patentanspruchs 1 gelöst. Die Unteransprüche beschreiben vorteilhafte Ausgestaltungen der Anordnung.

Eine entscheidende Verbesserung sowohl im Hinblick auf das Auflösungsvermögen als auch im Hinblick auf eine vollautomatische Auswertung wird durch einen VNH-Matrix Test (VNH = Vergleichende Nukleinsäure-Hybridisierung) erreicht, bei dem anstelle mitotischer Chromosomen spezifische Nukleinsäuresequenzen (im folgenden als Ziel-Nukleinsäuren bezeichnet, im Falle von DNA als Ziel-DNA, im Falle von RNA als Ziel-

RNA) auf einem geeigneten Träger-Material (im folgenden Matrix genannt) aufgebracht werden. Eine Ziel-Nukleinsäure kann aus einer oder vielen verschiedenen DNA- bzw. RNA-Sequenzen bestehen. Die Komplexität einer Ziel-Nukleinsäure richtet sich dabei nach der jeweiligen Fragestellung. Der VNH-Matrix Test soll eine vollautomatische Gewinn- und Verlust-Bilanz genetischer Imbalancen in einer genomischen Test-DNA ermöglichen, bei der das Auflösungsvermögen für ausgewählte Genomabschnitte, z. B. einzelne Gene, im kbp-Bereich liegen kann.

Die Ziel-Nukleinsäuren werden auf einer festen Matrix immobilisiert, die beispielsweise aus Filter-Papier oder aus Glas besteht. Das Areal der Matrix, in dem eine Ziel-Nukleinsäure aufgebracht ist, wird im folgenden als Slot bezeichnet. Anschließend erfolgt die simultane Hybridisierung von Test- und Referenz-DNA gegen die Ziel-Nukleinsäuren. Alternativ dazu kann die Hybridisierung von Test- und Referenz-DNA gegen die Ziel-Nukleinsäuren auch in Lösung vorgenommen werden. Dabei muß für jede Ziel-Nukleinsäure eine getrennte Hybridisierung durchgeführt werden. Die Auswertung erfolgt dann nach Bindung der Hybridisierungsprodukte an eine solide Matrix oder direkt in Lösung.

Im Gegensatz zu der stark variablen Anordnung individueller Chromosomen in Metaphasespreitungen, wie sie bei einer vergleichenden genomischen in situ Hybridisierung eingesetzt werden, kann die Position der auf Gewinne und Verluste in der Test-DNA zu prüfenden Genomabschnitte auf einer Matrix eindeutig festgelegt werden. Weiterhin zeigen Größe und Form individueller Chromosomen von Metaphase zu Metaphase erhebliche Schwankungen, während Größe und Geometrie der einzelnen Slots normiert werden können. Diese Möglichkeiten einer Normierung von Position, Größe und Geometrie der Ziel-Nukleinsäuren-Slots erleichtern die vollautomatische Auswertung einer Matrix im Vergleich zu CGH auf Metaphasechromosomen entscheidend. Größe und Abstand der einzelnen Slots können so gewählt werden, daß eine automatische Steuerung eines Tisches mit der darauf aufgebrachten Matrix oder — alternativ — eines Lichtstrahls leicht mit genügender Präzision realisiert werden kann. Bei Bedarf können Fluoreszenzquotienten innerhalb eines Slots auch in mehreren getrennten Arealen bestimmt und daraus Mittelwerte ermittelt werden.

Die Erfindung wird im folgenden anhand eines VNH-Matrix Tests zur Analyse von Imbalancen genomischer DNA bzw. exprimierter RNA in verschiedenen Geweben und Zelltypen und anhand von sieben Beispielen näher erläutert.

Für die vergleichende Quantifizierung der Genexpression in verschiedenen Geweben und Zelltypen soll ein Test entwickelt werden, der auf der vergleichenden Hybridisierung von unterschiedlich markierter mRNA bzw. cDNA von zwei Geweben oder Zelltypen auf eine Matrix mit den entsprechenden cDNA-Klonen beruht.

Das Prinzip des VNH-Matrix Tests beruht auf der vergleichenden Hybridisierung von Test- und Referenz Nukleinsäure Proben gegen Ziel Proben, die auf Glas oder einem Filter aufgebracht wurden, und der quantitativen Bestimmung von Fluoreszenzquotienten für die hybridisierten Proben. Die einzelnen Verfahrensschritte werden im Folgenden dargestellt.

1. Auswahl von Test- und Referenz-DNA bzw. -RNA Proben

Die Auswahl von genomischen Test- und Referenz DNAs erfolgt nach denselben Kriterien wie bei CGH Tests auf Metaphasechromosomen. Neben gesamtgenomischer DNA kann auch mittels DOP-PCR amplifizierte genomische DNA verwendet werden. Dies ist z. B. bei Speicher, M.R., du Manoir, S., Schröck, E., Holtgreve-Grez, H., Schoell, B., Lengauer, C., Cremer, T., Ried, T.: Molecular cytogenetic analysis of formalin-fixed, paraffinembedded solid tumors by comparative genomic hybridization after universal DNA-amplification. *Hum. Mol. Genet.* 2 : 1907 – 1914, 1993 beschrieben. Als Test- und Referenz-Proben für vergleichende Tests der Genexpression können mRNA Präparationen bzw. cDNA Bibliotheken ausgewählter Zellen bzw. Gewebe, aber auch einzelne cDNA-Proben und Kombinationen von cDNA-Proben eingesetzt werden.

2. Auswahl von Ziel-DNA bzw. Ziel-RNA

Als Ziel-Nukleinsäuren die in der unten beschriebenen Weise auf die Matrix aufgetragen werden, kommen klonierte genomische DNA-Abschnitte einer Spezies (z. B. Mensch) in Frage beispielsweise DNA-Präparationen von Plasmid-Klonen, Cosmid-Klonen, P1-Klonen, YAC-Klonen, die Genomabschnitte von wenigen kbp bis zu mehreren Mbp umfassen. Statt gereinigter Nukleinsäuren können auch sortierte Chromosomen oder Mikroorganismen, die entsprechende Zielnukleinsäuren enthalten, direkt auf die Matrix aufgebracht werden.

Die physikalische Kartierung der verwendeten Proben sollte bekannt sein. Für noch größere Genomabschnitte, z. B. bestimmte Chromosomenbanden, Chromosomenarme, ganze Chromosomen können Mischungen der DNA ausgewählter genomischer DNA-Klone zusammengestellt oder es können DNAs von Klonbibliotheken verwendet werden, die von sortierten oder mikrodisszierten Chromosomen des Menschen oder anderer Spezies hergestellt wurden. Für vergleichende Tests der Genexpression können cDNA-Proben, Kombinationen von cDNA-Proben bzw. cDNA-Bibliotheken, sowie mRNA-Fraktionen als Ziel-Nukleinsäuren eingesetzt werden.

Herstellung der VNH-Test-Matrix

Die für einen gewünschten VNH-Matrix-Test erforderlichen Ziel-Nukleinsäuren werden auf einem Filter in einer vom Experimentator gewünschten geometrischen Anordnung aufgebracht, beispielsweise so daß die Reihenfolge genomischer Ziel-Nukleinsäuren auf der Matrix von oben nach unten der Reihenfolge ihrer physikalischen Kartierung auf einem Chromosom von pter bis qter entspricht. Jeder Probe ist demnach ein Slot mit einer definierten Position auf dem Filter zugeordnet. Als Filter können für Nukleinsäure-Bindung übliche Papierfilter eingesetzt werden. Bei Fluoreszenz-Verfahren müssen die Filter so ausgewählt werden, daß ihre Eigenschaften – wie z. B. die Eigenfluoreszenz – die Messung der Fluoreszenzsignale nicht stören werden. Auf diese Weise können die Slots für verschiedene Chromosomen, Chromosomenabschnitte und Gene nebeneinander in parallelen Reihen angeordnet werden. Die Auswahl der Ziel-Nukleinsäuren hängt von der diagnostischen Zielsetzung und dem benötigten Auflösungsvermögen des VNH-Matrix-Tests ab. Eine Slot-Matrix kann Ziel-Nukleinsäuren für exprimierte Sequenzen oder genomische Abschnitte ausgewählter Gene, ebenso wie Ziel-DNAs für Chromosomenabschnitte, indivi-

duelle Chromosomen oder auch den gesamten Chromosomensatz beinhalten. Ihre Anzahl kann je nach diagnostischer Zielsetzung von einigen wenigen bis zu einigen hundert Ziel-Nukleinsäuren variieren. Bei den Ziel-Nukleinsäuren kann es sich um einzelsträngige Proben oder um doppelsträngige Proben handeln. Im letzteren Falle muß die Ziel-Nukleinsäure vor dem VNH-Test durch einen geeigneten Denaturierungsschritt einzelsträngig gemacht werden. Die Ziel-Nukleinsäuren müssen durch geeignete Behandlung der Filter so an die Filter gebunden werden, daß sie sich während der VNH-Prozedur nicht ablösen können.

Für die Herstellung der VNH-Test-Matrix auf Glas sind Verfahren notwendig, die die Bindung der Ziel-DNA bzw. Ziel-RNA auf Glas gewährleisten. Dafür existieren bereits verschiedene Protokolle, wie z. B. die Beschichtung von Objektträgern mit einem dünnen Polyacrylamid-Film und der anschließenden Immobilisierung der aufzutragenden Proben nach einem Verfahren von Khrapko et al. (Khrapko, K.R., Lysov, Y.P., Khorlin, A.A., Ivanov, I.B., Yershov, G.M., Vasilenko, S.K., Florentiev, V.L., Mirzabekov, A.D.: A method for DNA sequencing by hybridization with oligonucleotide matrix. *DNA-Sequence-J. DNA-Sequencing and Mapping* 1 : 375 – 388, 1991). Eine andere Möglichkeit besteht in der Beimischung von Trägersubstanzen – wie z. B. von Proteinen, die höchstens zu geringen oder unterscheidbaren Hintergrundsignalen führen – zu den Ziel-Nukleinsäuren, dem Auftrag des Gemischs auf die Matrix und einer anschließenden Fixierung wie z. B. mit Methanol/Eisessig oder Formaldehyd. Die Auswahl und Anordnung der Proben auf der Glasmatrix werden wie oben beschrieben durchgeführt. Statt Glas bieten sich auch andere harte Materialien an. Besonders geeignet erscheinen Mikroplatten mit vorgeformten Vertiefungen.

Als Alternative zur Herstellung einer VNH-Matrix auf Glas oder auf Filter kann die Hybridisierung auch – für jede Ziel-Nukleinsäure getrennt – in Lösung durchgeführt werden. Bei dieser Methode muß besonderer Wert auf die quantitative Abtrennung der nicht-hybridisierten Probenmoleküle gelegt werden. Dies kann mit konventionellen Methoden wie z. B. Gelfiltration, Gelelektrophorese, Chromatographie oder durch enzymatischen Abbau erfolgen. Erst nach dieser Abtrennung werden die Signalintensitäten der Test- und der Referenz-DNA gemessen. Diese Messung kann sowohl nach Bindung der Hybridisierungsprodukte an eine solide Matrix oder – für jede Ziel-Nukleinsäure getrennt – in Lösung erfolgen. Die Messung nach Bindung an eine solide Matrix erfolgt wie unten ausgeführt, die Messung in Lösung kann stationär für jeden Reaktionsansatz oder in automatisierter Form, z. B. im Durchflußspektrophotometer, erfolgen. Dabei können die Signale von Test- und Referenz-Nukleinsäuren entsprechend der Signalcharakteristik gemessen werden. Beispielsweise können Test- und Referenz-Nukleinsäuren über verschiedene Fluorochrome markiert werden. Beide lassen sich dann nach dem Stand der Technik in der Fluorometrie getrennt anregen und messen und nach dem Stand der Technik in der Flußcytometrie simultan angeregen und getrennt messen.

Die Markierung der Nukleinsäure Proben mit Haptene (z. B. Biotin oder Digoxigenin) oder direkt mit einem Fluorochrom erfolgt mittels molekulargenetischen Standardverfahren (z. B. Nick Translation, Random Priming) wie bei Lichter, P., Cremer, T.: Chromosome analysis by non-isotopic in situ hybridization. in: Human

cytogenetics: A practical approach; eds.: Rooney, D.E., Czepulkowski, B.H., IRL Press, Oxford: 157–192, 1992, und Raap, A.K., Wiegant, J., Lichter, P.: Multiple fluorescence in situ hybridization for molecular cytogenetics. in: Techniques and Methods in Molecular Biology: Non-radioactive labeling and detection of biomolecules; ed.: Kessler, C., Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, New York: 343–354, 1992, beschrieben.

Die Durchführung der vergleichenden Nukleinsäure Hybridisierung erfolgt wie bei Du Manoir, S., Speicher, M.R., Joos, S., Schröck, E., Popp, S., Döhner, H., Kovacs, G., Robert-Nicoud, M., Lichter, P., Cremer, T.: Detection of complete and partial chromosome gains and losses by comparative genomic in situ hybridization. Hum. Genet. 90 : 592–593, 1993, bzw. Speicher, M.R., du Manoir, S., Schröck, E., Holtgreve-Grez, H., Schoell, B., Lengauer, C., Cremer, T., Ried, T.: Molecular cytogenetic analysis of formalin-fixed, paraffin-embedded solid tumors by comparative genomic hybridization after universal DNA-amplification. Hum. Mol. Genet. 2 : 1913–1914, 1993, beschrieben. Die Hybridisierung von RNA-Proben erfolgt analog und unter Berücksichtigung der bei RNA-Hybridisierungen üblichen Kautelen.

Der Nachweis der hybridisierten Probensequenzen erfolgt über Moleküle, die quantitativ erfaßbare Signale hervorrufen, welche sich genügend von "Hintergrund"-Signalen auf der Matrix unterscheiden. Hierzu werden gegenwärtig Fluoreszenz-Eigenschaften bevorzugt. Bei Fluorochrom-markierten Nukleinsäuren erfolgt der Nachweis direkt nach der Durchführung der üblichen Waschschriffe. Die Durchführung von Fluoreszenz-Nachweisreaktionen bei Hapten-markierten Nukleinsäure-Proben erfolgt nach Standardverfahren wie z. B. bei Lichter, P., Cremer, T.: Chromosome analysis by non-isotopic in situ hybridization. in: Human cytogenetics: A practical approach; eds.: Rooney, D.E., Czepulkowski, B.H., IRL Press, Oxford: 157–192, 1992, beschrieben. Neben der Fluoreszenz können auch andere Nachweisverfahren angewandt werden, die zu gut quantifizierbaren Signalen führen, wie beispielsweise die Chemilumineszenz, Phosphoreszenz, Radioaktivität zum direkten oder indirekten Nachweis von Nukleinsäuren. Es können auch verschiedene Nachweisarten für Test- und Referenz-Nukleinsäuren in einem Experiment kombiniert werden.

Im Anschluß an die VNH-Prozedur werden die Fluoreszenzsignale für jeden Slot der Matrix quantitativ bestimmt (z. B. mit einer CCD-Kamera) und daraus der Fluoreszenzquotient Test Nukleinsäure/Referenz Nukleinsäure mit einem Mikroprozessor berechnet. Die Bestimmung der Fluoreszenzquotienten erfolgt wie bei du Manoir et al. (1993) (S. 592–593) bzw. Speicher et al. (1993) (S. 1913–1914) beschrieben mit dem Unterschied, daß die Messungen mit Hilfe von Masken nicht an einzelnen Chromosomen sondern innerhalb der einzelnen Ziel-Nukleinsäuren Slots erfolgt. In VNH-Kontrollexperimenten mit unterschiedlich markierten genomischen DNAs von Zellen mit normalem Karyotyp bzw. unterschiedlich markierter identischer cDNA- oder RNA-Proben werden die auch normalerweise zu erwartenden Schwankungen dieser Quotienten auf einem vorgegebenen Vertrauensniveau bestimmt. Bei Probanden mit einer durch den Test erfaßbaren genomischen Duplikation oder Deletion eines Chromosoms, eines Chromosomenabschnitts oder eines Gens ist eine systematische Erhöhung bzw. Erniedrigung der Quotienten in den Slots zu erwarten, die die entsprechenden Ziel-Nukleinsäuren enthalten. Die Fluoreszenz-Quo-

tienten für die übrigen Slots sollten dagegen im Kontrollbereich liegen.

Da das vom Testgenom herrührende Hybridisierungssignal in jedem Slot mit dem von der normalen Referenz-DNA herrührenden Hybridisierungssignal verglichen wird, sollte der VNH Matrix Test relativ unempfindlich gegenüber Schwankungen der Ziel-Nukleinsäuren Menge in den einzelnen Slots bei der Produktion der Matrix sein. Interexperimentelle Schwankungen im Mischungsverhältnis der Tumor DNA und Referenz DNA wirken sich auf alle Quotienten gleichsinnig aus und lassen sich ebenfalls leicht normieren.

Ein wichtiger Aspekt betrifft die Auswahl geeigneter Ausrüstung zur quantitativen Erfassung der Hybridisierungssignale. Die Nachweisinstrumente müssen generell in der Lage sein, lineare Unterschiede der Signalintensitäten über einen weiten Bereich zu messen. Zum Nachweis von Fluoreszenz-Signalen bieten sich gegenwärtig verschiedene Instrument-Konfigurationen an, wie z. B.: Fluoreszenzmikroskope, die mit einer (gekühlten) CCD (charged coupled device) Kamera ausgerüstet sind; oder Fluoro-Scanner, bei denen ein Fluoreszenz-Scanning über einen elektronisch gesteuerten Laserstrahl und die Detektion über einen sensitiven Photomultiplier erfolgt. Auch bei der Durchflußspektrophotometrie erfolgt die Anregung über eine Lampe oder einen Laser und der Nachweis über Photomultiplier. Je nach Art der Nachweissignale (s. o.) sind auch andere Verfahren, wie z. B. Densitometrie (siehe z. B. Phosphor-Imaging), angebracht.

Alle Meßdaten sollen in digitaler Form erfaßt und gespeichert werden. Die Verhältnisse der Signalintensitäten von Test- und Referenz-Nukleinsäuren werden dann mit Hilfe geeigneter Software errechnet.

Anwendungsbeispiele

Wichtige Anwendungen liegen auf dem Gebiet der klinischen Genetik, Tumordiagnostik, der klinischen Pathologie, der Analyse von Tiermodellen für genetische Erkrankungen einschließlich Tumoren sowie der Züchtungsforschung.

Die Auswahl von Ziel-Nukleinsäuren für die Matrix erfolgt nach den diagnostischen Anforderungen. Sind für eine bestimmte diagnostische Problemstellung die in Frage kommenden chromosomalen Imbalancen bekannt, so kann eine Matrix mit Ziel-Nukleinsäuren hergestellt werden, die selektiv für den Nachweis bzw. den Ausschluß dieser spezifischen Imbalancen ausgewählt werden (siehe unten Beispiel 3). Für andere Fragestellungen ist es jedoch wünschenswert, eine möglichst umfassende Analyse des Genoms auf unbekannte Imbalancen durchzuführen. Dies erfolgt beispielsweise durch Aufspaltung eines gesamten Genoms in eine Reihe von Ziel-Nukleinsäuren. Das Auflösungsvermögen und die Sensitivität eines solchen VNH Tests werden dabei von der Anzahl und der genomischen Verteilung der Ziel-Nukleinsäuren bestimmt (siehe unten Beispiel 2). Um beispielsweise das Auflösungsvermögen einer cytogenetischen Bänderungsanalyse mit 400 bzw. 800 Chromosomen-Banden pro haploidem Chromosomensatz zu erreichen, müßte jede Bande auf der Matrix durch eine geeignete Ziel-Nukleinsäure repräsentiert sein, im folgenden "400 bzw. 800 Banden-Matrix" genannt (siehe Beispiel 2). Mit dieser Matrix könnte man Verluste und Gewinne von chromosomalen Regionen auf dem so vorgegebenen Auflösungslevel bestimmen, das dem zur Zeit erreichbaren Auflösungsvermögen von CGH

auf Metaphase-Chromosomen entspricht.

Bei Bedarf kann eine sequentielle Testung verschiedener Matrizen mit unterschiedlichem Auflösungsvermögen durchgeführt werden. Wenn beispielsweise auf normalen Chromosomen oder auf einer 400 Banden-Matrix der Gewinn oder Verlust eines bestimmten Chromosomen-Segments erkannt wird, kann in einem zweiten Schritt eine Matrix eingesetzt werden, mit deren Hilfe die Bruchpunkte der imbalancierten Region genauer eingegrenzt werden. Für diese Matrix werden Ziel-Nukleinsäuren verwendet, die definierte Subregionen des zuvor identifizierten Chromosomen-Segments charakterisieren (Beispiel 3).

Beispiel 1

Screening numerischer Chromosomen Aberrationen. Hierzu sind 24 Ziel-DNAs erforderlich, die die 24 verschiedenen menschlichen Chromosomen repräsentieren. Diese werden nach den diagnostischen Anforderungen zusammengestellt (siehe unten). Als Ziel-DNAs kommen in Frage: DNA sortierter menschlicher Chromosomen; DNA von somatischen Hybridzellen, die jeweils ein menschliches Chromosom enthalten (monochromosomale Hybridzellen); DNA-Amplifikationsprodukte von sortierten menschlichen Chromosomen oder monochromosomalen Hybridzellen; Pools aus klonierten, Chromosomen-spezifischen Fragmenten wie z. B. YACs, P1-Klone, Cosmide, oder entsprechend Contigs solcher Proben. Statt DNAs könnten auch sortierte Chromosomen oder Mikroorganismen, die entsprechende Zielnukleinsäuren enthalten, direkt auf die Matrix aufgebracht werden (siehe oben).

Mögliche Anwendungen

- a) Pränatales Screening embryonaler Zellen nach numerischen Veränderungen. Die wichtigsten numerischen Veränderungen betreffen die Chromosomen 13, 18, 21, X und Y. Dementsprechend enthält die Matrix in diesem Fall die Ziel-DNAs der genannten 5 Chromosomen. Wenn aus ethischen und legalen Erwägungen ein Screening der Geschlechtschromosomen ausgeschlossen werden soll, würden nur Ziel-DNAs für die Chromosomen 13, 18, 21 aufgetragen.
- b) Screenen nach Hyperploidien in Patienten mit akuter lymphatischer Leukämie, da Hyperploidien mit $n > 50$ eine günstige klinische Prognose haben. In diesem Falle erscheint es sinnvoll, Ziel DNAs für alle 24 menschlichen Chromosomen aufzutragen.
- c) Screenen von Tumoren, in denen numerische Aberrationen eine Rolle spielen, wie z. B. chromophobe Nierenzellkarzinome, Blasenkarzinome. Auch hier können Matrizen verwendet werden, die Ziel-DNAs aller 24 Chromosomen (dies scheint beim Blasenkarzinom angebracht) oder Ziel-DNAs der bei einzelnen Tumor-Entitäten relevanten Aberrationen enthalten (z. B. chromophobe Nierenzellkarzinome).

Beispiel 2

Universelles Screening von unbekannten partiellen Chromosomen-Imbalancen. Hierzu sind Ziel-DNAs erforderlich, die verschiedene Abschnitte der menschlichen Chromosomen repräsentieren. So können in Analogie zu den derzeitigen molekular-

biologischen Methoden der Analyse von genomischen Verlusten ("loss of heterozygosity, LOH") Matrizen mit 42 Ziel-DNAs verwendet werden, um alle relevanten Chromosomenarme zu repräsentieren: 1p, 1q, 2p, 2q, 3p, 3q, 4p, 4q, 5p, 5q, 6p, 6q, 7p, 7q, 8p, 8q, 9p, 9q, 10p, 10q, 11p, 11q, 12p, 12q, 13q, 14q, 15q, 16p, 16q, 17p, 17q, 18p, 18q, 19p, 19q, 20p, 20q, 21q, 22q, Yq.

Bei höherem Auflösungsbedarf können komplexere Matrizen eingesetzt werden, wie die oben beschriebenen "400 oder 800 Banden Matrizen".

Mögliche Anwendungen

- a) Screenen von Patienten mit Verdacht auf unbekannte strukturelle Chromosomen Aberrationen.
- b) Screenen von beliebigen Tumoren auf unbekannte chromosomale Imbalancen. Dieser Ansatz hat vor allem in der tumorbiologischen Forschung Bedeutung, da für viele Tumoren die diagnostisch und prognostisch relevanten genomischen Imbalancen bislang nicht identifiziert wurden.

Beispiel 3

Hochauflösendes Screening von bestimmten Chromosomen-Abschnitten auf genomische Imbalancen. In diesem Fall werden Matrizen hergestellt, die Ziel-DNAs nur für ausgewählte Chromosomen-Abschnitte haben und einer spezifischen diagnostischen Fragestellung Rechnung tragen.

Mögliche Anwendungen

- a) Bei einer genetischen Beratung von Familien mit reziproken Translokationen ist es wichtig zu wissen, ob es im Bereich der chromosomalen Bruchpunkte zu genetischen Imbalancen gekommen ist. Für eine derartige Analyse kann eine hochauflösende Matrix mit Ziel-DNAs hergestellt werden, die in den fraglichen Bruchpunktregionen kartiert sind.
- b) Bei einer Carrier-Diagnostik von X-chromosomal rezessiven Erkrankungen, wie der Duchenne'schen Muskeldystrophie, kann eine Matrix hergestellt werden, die Ziel-DNAs für Abschnitte des entsprechenden Gens enthält.

Beispiel 4

Screenen nach genomischen Imbalancen von Tumor-relevanten Genen. Hierzu sind Ziel-DNAs erforderlich, die bekannte Proto-Onkogene, Tumorsuppressorgene oder andere für Wachstum und Metastasierung relevante Gene eines Tumors repräsentieren.

Mögliche Anwendungen

- a) Nachweis der Amplifikation von Onkogenen mit prognostischer Relevanz, z. B. N-myc Amplifikation beim Neuroblastom.
- b) Nachweis der Deletion von Tumorsuppressorgenen mit prognostischer Relevanz, z. B. die Deletion in 1p36 beim Neuroblastom.

Beispiel 5

Screenen auf Über- bzw. Unterexpression bestimmter Gene

Hierzu sind Ziel-Nukleinsäuren erforderlich, die kodierende Sequenzen ausgewählter Gene enthalten. Hierfür neben den in Beispiel 4 beschriebenen Matrizen auch Matrizen mit RNAs oder cDNAs der Gene in Frage. Als Test-Nukleinsäure wird Gesamt-RNA aus einer zu testenden Zell-Population isoliert, als Referenz-Nukleinsäure dient die Gesamt-RNA einer geeigneten Kontroll-Zell-Population mit normaler Expression der relevanten Gene.

Mögliche Anwendung

Bei einer genomischen Amplifikation von N-myc (siehe Beispiel 4a) kann mit diesem Test eine quantitative Erfassung der tatsächlichen Überexpression erfolgen.

Beispiel 6

Die oben für menschliche Erkrankungen aufgeführten Beispiele lassen sich in analoger Weise auf Tiermodelle für diese Erkrankungen ausdehnen. Voraussetzung dafür ist die Herstellung von Matrizen, deren Ziel-Nukleinsäuren von der entsprechenden Spezies stammen oder eine für die Zwecke eines VNH-Tests genügende evolutionäre Konservierung aufweisen.

Mögliche Anwendung

Bei vielen Tiermodellen für spezifische Tumore ist zunächst nicht bekannt, ob der zu Grunde liegende genetische Mechanismus mit dem beim Menschen auftretenden Tumor übereinstimmt. In diesem Falle ist bei einer Testung von Tumor-relevanten Genen (siehe Beispiel 4) oder bei Expressionsanalyse (siehe Beispiel 5) eine Übereinstimmung der Ergebnisse der VNH-Tests beim menschlichen und tierischen Tumor zu erwarten.

Beispiel 7

Bei einer Herstellung transgener Organismen können VNH-Tests mit Matrizen entwickelt werden, die Ziel-Nukleinsäuren der übertragenen Gene enthalten. Mit diesen Tests können die Kopienzahlen der übertragenen Gene und die Expression im Empfänger-Organismus quantitativ bestimmt werden.

Mögliche Anwendungen

- a) Analyse von transgenen Tieren, mit entsprechend mutierten Tumor-relevanten Genen.
- b) Züchtung von Tieren und Pflanzen mit veränderten Eigenschaften.

Patentansprüche

1. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen, dadurch gekennzeichnet, daß alle Komponenten dieser Anordnung von Nukleinsäuresequenzen von einander getrennt sind.
2. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die von einander getrennten Komponenten dieser Anordnung von Nukleinsäuresequenzen als Matrix auf einem Träger angeordnet sind.
3. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die von einander getrennten Komponenten dieser Anordnung von Nukleinsäuresequenzen als Suspensionen

vorliegen.

4. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß der Träger aus Glas besteht.
5. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß der Träger aus Filtermaterial besteht.
6. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß der Träger ein Gel ist.
7. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß der Träger aus Kunststoff besteht.
8. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach einem der Ansprüche 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Nukleinsäuresequenzen definierte Abschnitte des Genoms einer Spezies sind.
9. Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß die definierten Abschnitte des Genoms die DNA verschiedener individueller Chromosomen und/oder verschiedener Abschnitte einzelner Chromosomen repräsentieren.
10. Verwendung einer Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach einem der Ansprüche 1 bis 9 zum Nachweis von nicht balanciertem genetischen Material durch vergleichende genomische Hybridisierung von markierten genomischen Nukleinsäuresequenzen aus Test-Zellen einer Spezies mit unterschiedlich markierten genomischen Nukleinsäuresequenzen aus Referenz-Zellen der gleichen Spezies gegen diese Anordnung von Nukleinsäuresequenzen, wobei für jede Komponente dieser Anordnung von Nukleinsäuresequenzen der Anteil der hybridisierten Test- und Referenz-Nukleinsäuresequenzen getrennt mit Hilfe der Markierungen gemessen wird.
11. Verwendung der Anordnung von Nukleinsäuresequenzen nach Anspruch 10, wobei die Test- und Referenz-Nukleinsäuresequenzen von der gleichen Spezies stammen wie die Nukleinsäuresequenzen der Anordnung.

ABSTRACT

DE 43 44 726 A1

- (54) Arrangement of nucleic acid sequences and their application.
- (57) The invention relates to an arrangement of nucleic acid sequences and their utilization. It is the object of the invention to design the arrangement of nucleic acid sequences in such manner that great resolution in comparing genomic hybridization can be achieved at low technical cost. This object is attained in that all the components of this arrangement of nucleic acid sequences are separate from each other.